



# Проект по биоинформатике



Группа 2

# Anopheles



Малярийные комары

# Основные признаки представителей

1. Тело тёмного или чёрного цвета
2. При отдыхе поднимают брюхо вверх
3. Усики такой же длины, как жало, длинные ноги
4. На крыльях тёмные пятна
5. По размеру немного меньше обычных комаров
6. Распространены по всему миру, кроме крайнего Севера
7. Длина генома примерно 250 Мб, 4 хромосомы



# Эпигенетика и устройство генома

1. Низкий уровень метилирования, метилируется в основном тРНК
2. Главный эпигенетический механизм - гистоновые модификации, связанные с активацией промоторов или репрессией транскрипции
3. В геноме много повторов
4. Структура хроматина коррелирует с экспрессией генов и схожа у всех видов
5. Геном разделен на выделенные компартменты, коррелирующие с экспрессией генов
6. Более короткие TADы - в А-компартменте. Более длинные - в В-компартменте. Самые длинные TADы расположены в регионах с маленьким количеством генов и низкой экспрессией

<https://www.nature.com/articles/s41467-022-29599-5>

<https://www.frontiersin.org/journals/genetics/articles/10.3389/fgene.2020.602949/full>

Участник	Вид	Условия обитания	GC содержание
Либина Яна	<i>Anopheles gambiae</i>	Стоячие пресные водоёмы	45%
Рябов Олег	<i>Anopheles darlingi</i>	Реки: побережье, заводи	48%
Векшин Кирилл	<i>Anopheles stephensi</i>	Стоячие пресные водоёмы	45%
Нелипович Софья	<i>Anopheles albimanus</i>	Стоячие пресные водоёмы	49%
Синицына Владислава	<i>Anopheles arabiensis</i>	Мелкие, хорошо прогреваемые водоемы	44.5%
Лазарев Никита	<i>Anopheles sinensis</i>	Теплые пресные водоёмы	44%
Ромашов Федор	<i>Anopheles funestus</i>	Мелководные пресные заросшие водоёмы	41.5%
Скворцова Ирина	<i>Anopheles minimus</i>	Пресные воды, холмы	42%
Волянский Никита	<i>Anopheles coluzzii</i>	Медленно проточные или стоячие водоемы	44.5%
Старостин Ярослав	<i>Anopheles aquasalis</i>	Мангровые болота, прибрежные лагуны	48%

# Anopheles gambiae s.s.

- Scaffold N50 = 99.1 Mb, Contig N50 = 10.6 Mb
- Число статей на PubMed: 1,132
- Длина генома: 264.5 Mb
- Число генов: 15 165
- Места обитания: Sub-Saharan Африка. Влажный тропический климат. Личинки развиваются в стоячей или мало-текучей воде: в лужах, рисовых полях, болотах и берегах рек. Температура: 16.7°C - 27.8°C
- Эпигенетика и организация генома:
  - H3K27ac - активная транскрипция, H3K27me3 - подавленные гены
  - Уровень метилирования ДНК крайне низок
  - В гетерохроматине низкая плотность генов, повторяющиеся транспозоны
  - В гетерохроматине находятся гены, связанные с регуляцией хроматина



# Anopheles darlingi

- Scaffold N50 = 95 Mb, Contig N50 = 19.2 Mb
- Число статей на PubMed: 475
- Длина генома: 181.6 Mb
- Число генов: 12 393
- Места обитания: от Мексики до Аргентины. Влажный тропический климат. обитают в прибрежных, речных и стоячих водоёмах. Температура: 17.5°C - 33°C
- Эпигенетика и организация генома:
  - H3K4me3 – активные промотор, H3K27me3 – репрессивная метка Polycomb
  - H3K9ac, H3K27ac – маркер активных энхансеров и промоторов
  - Уровень метилирования ДНК очень низкий



# Anopheles stephensi

- Scaffold N50 = 88.7 Mb, Contig N50 = 38.1 Mb
- Число статей на PubMed: 2031
- Длина генома: 243.5 Mb
- Число генов: 15 394
- Места обитания: Индийский субконтинент, а также регион Ближнего Востока и Южной Азии.
- Эпигенетика и организация генома:
  - Уровень метилирования ДНК у An. stephensi крайне низок, что типично для насекомых.
  - Крупные инверсии (например, 16.5 Mbp 2Rb) связаны с адаптацией к урбанизированным условиям.
  - В гетерохроматине обнаружены 29 ранее скрытых генов, связанных с устойчивостью к инсектицидам (например, мутации в *gaba* и *vgsc*).





# Anopheles albimanus

- Scaffold N50 = 89 Mb, Contig N50 = 25 Mb
- Число статей на PubMed: 592
- Длина генома: 172.6 Mb
- Число генов: 12 945
- Места обитания: в прибрежных районах Центральной и Южной Америки, на Карибских островах и в Мексике
- Эпигенетика и организация генома:
  - Обнаружена полноценная система ДНК-метилирования, ключевым ферментом которой является DNMT2; также присутствуют TET2 (деметилаза) и белок с доменом связывания с метилированными CpG (MBD).
  - В геноме выявлены основные модификации гистонов: H3K4me3(акт промотор), H3K27ac(акт энхансер), H3K9ac(акт промотор), H3K9me3(репрессивная)
  - Уровень метилирования ДНК низкий



# Anopheles arabiensis

- Scaffold N50 = 95.7 Mb, Contig N50 = 23.9 Mb
- Число статей на PubMed: 1491
- Длина генома: 256.8 Mb
- Число генов: 15 763
- Места обитания: субсахарская Африка, с исключением пустынных районов Сахары, южной части ЮАР и некоторых участков бассейна Конго  
Температура: 14.6°C - 34.4°C
- Эпигенетика и организация генома:
  - H3K27ac—активные домены; H3K27me3—репрессивные домены.
  - Отсутствие CpG-метилирования: утрачены DNMT1/3; сохранён DNMT2 для tRNA
  - Hi-C анализы показывают чёткое разделение генома на активные и репрессивные компартменты, а также наличие TAD-подобных доменов и регуляторных петель между энхансерами и промоторами



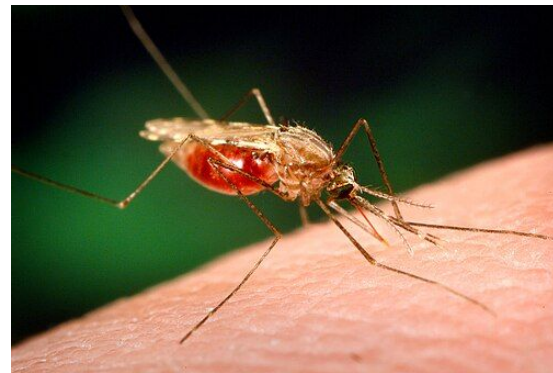
# Anopheles sinensis

- Scaffold N50 = 814.2 kb, Contig N50 = 30.1 kb
- Число статей на PubMed: 530
- Длина генома: 220.8 Mb
- Число генов: 19 352
- Места обитания: на территории Дальнего Востока России, а также в странах Восточной Азии (Китай, Корея, Япония)
- Эпигенетика и организация генома:
  - У *Anopheles sinensis* уровень ДНК-метилирования крайне низкий; обнаружен только фермент DNMT2, вероятно, метилирующий тРНК
  - Выявлена m6A-модификация РНК, участвующая в регуляции сперматогенеза
  - Основу эпигенетической регуляции составляют гистоновые модификации: активирующие (H3K4me3, H3K27ac, H3K9ac) и репрессивные (H3K9me3, H3K27me3)



# Anopheles funestus

- Scaffold N50 = 84.6 Mb, Contig N50 = 24.1 Mb
- Число статей на PubMed: 1183
- Длина генома: 250.7 Mb
- Число генов: 14 819
- Места обитания: субсахарская Африка (Сенегал – Мадагаскар). Личинки развиваются в постоянных или полупостоянных пресноводных водоёмах (болота, пруды, рисовые поля, берега рек). Диапазон развития 18–30 °C (при 15 °C и 35 °C развитие прекращается).
- Эпигенетика и организация генома:
  - Набор эпигенетических ферментов (DNMT2, TET, MBD, HAT, HDAC, HMT, KDM) с признаками видоспецифического расширения HDAC1 и PFMT1.
  - Hi-C анализ выявил TAD-домены (200–400 кб) и чёткое компартиментирование A/B.
  - Транскриптомные данные показывают вовлечение miRNA и lncRNA (например, miR-305) в регуляцию детоксикации и пиретроидной резистентности при ожидаемом крайне низком (< 0,5%) глобальном уровне DNA-метилирования.
  - Гетерохроматин обогащён транспозонными повторами и имеет низкую плотность активных генов



# Anopheles minimus

- Scaffold N50 = 89Mb, Contig N50 = 1.2 Mb
- Число статей на PubMed: 141
- Длина генома: 240.2 Mb
- Число генов: 2 330
- Места обитания: Обитает южной Азии (Таиланд, Лаос, Индия), в речных долинах и холмистых местностях. Оптимальная температура – 25-30 °C.
- Эпигенетика и организация генома:
  - H2K27ac – активная транскрипция, H2K4me3 – инициация транскрипции
  - В репродуктивных тканях относительно высокий уровень дифференциальной экспрессии
  - Встречается много консервативных long non-coding RNA последовательностей
  - Низкий уровень метилирования



<https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-025-11687-7>

# Anopheles coluzzii

- Scaffold N50 = 95.2Mb, Contig N50 = 18.8 Mb
- Число статей на PubMed: 603
- Длина генома: 262.6 Mb
- Число генов: 14616
- Места обитания: Западная (Сенегал, Гана, Нигерия) и Центральная (Камерун, Чад, Габон) Африка. Тропический и субэкваториальный климат. Оптимальная температура – 24-30 °C.
- Эпигенетика и организация генома:
  - H2K4me3 – активный маркер, H3K27me3 – репрессивный маркер
  - Характерны гетерохроматиновые области, особенно вокруг центромер и теломер
  - Крайне низкий уровень метилирования



# Anopheles aquasalis

- Scaffold N50 = 90Mb, Contig N50 = 38 Mb
- Число статей на PubMed: 139
- Длина генома: 170.5 Mb
- Число генов: 12877
- Места обитания: Прибрежные регионы Центральной и Южной Америки (Бразилия, Венесуэла). Оптимальная температура – 26-30 °C.
- Эпигенетика и организация генома:
  - активный маркеры: H3K4me3 (промотер), H3K27ac (энхансер)
  - репрессивные маркеры: H3K27me3, H3K9me3
  - Гистоны участвуют в регуляции иммунного ответа и развития
  - Много транспозонов (до 20% генома), низкий уровень метилирования



**Спасибо за внимание!**



bombardini malarini